

De l'analyse génétique à..... l'estimation des populations de loups

Les informations issues du génotypage des crottes peuvent connaître une seconde vie en nous renseignant sur la dynamique des populations, en particulier sur l'évolution des effectifs dans le temps. En effet, si l'on peut faire correspondre une crotte à un individu, le total des crottes collectées une année nous donne une idée de la taille de population cette même année. Une idée seulement, car ce que l'on observe n'est pas forcément ce qui est réellement présent : par exemple, si l'on récolte 50 crottes et que la probabilité de détecter une crotte est de 80 %, alors le nombre réel d'individus est évidemment supérieur à 50, très exactement $50 / 0.8$ c'est-à-dire 62.5 individus.

Cette simple démonstration incite à s'intéresser au fait qu'on ne peut détecter dans la nature tous les individus à tout moment. Il s'agit clairement d'un problème de détection des animaux qui trouve une solution efficace dans les protocoles de capture-recapture (CR). Grâce à un suivi dans le temps d'un échantillon des individus d'une population, on peut estimer la probabilité de capture ou de détection. On peut alors corriger le nombre d'individus observés pour estimer les effectifs réels de la population, comme dans l'exemple simple qui précède. Pour estimer ces probabilités, des modèles statistiques existent (Lebreton et al. 1992) ainsi que des logiciels pour les mettre en œuvre (Choquet et al. 2004).

Malgré tout, l'utilisation des protocoles classiques de CR est particulièrement difficile pour des espèces dites discrètes (difficilement observables) telles que le loup puisqu'elle requiert, en théorie, la capture physique des individus pour leur marquage initial. L'utilisation de l'outil moléculaire permet alors un « marquage indirect », en caractérisant les signatures génétiques individuelles à partir d'échantillons d'excréments, de poils ou d'urine desquels on peut extraire l'ADN (Taberlet et al. 1999). Cette approche dite non-invasive ou non-intrusive (pas de capture effective des individus) permet d'appliquer les modèles de CR pour l'estimation des effectifs. Elle permet en outre de traiter l'ensemble de l'aire de répartition de l'espèce (Lukacs and Burnham 2005).

Toutefois, les modèles de CR reposent sur plusieurs hypothèses fortes dont une hypothèse clef pour l'estimation des effectifs d'une population, celle d'homogénéité de la probabilité de détection : cela signifie que dans les modèles classiques de CR, on suppose que chaque animal a les mêmes chances d'être recapturé. Or plusieurs éléments montrent que, dans le cas du loup, cette hypothèse n'est clairement pas remplie, et qu'il y a un mélange d'individus peu capturables et d'individus fortement capturables. Peut-être, par exemple, que les individus dominants d'un groupe utilisent plus fréquemment que les dominés leurs excréments et urines pour marquer le territoire. On les détecterait ainsi plus souvent. Une telle forme d'hétérogénéité de détection provoquant une erreur conséquente dans l'estimation de l'effectif

(Carothers 1973), il convient donc d'utiliser des modèles de CR qui en tiennent compte. Les problématiques de gestion rejoignent alors celles de la recherche fondamentale, et des collaborations entre des organismes tels que l'ONCFS et le CNRS s'avèrent fructueuses, puisque de tels modèles de CR n'ont été que très récemment développés (Pradel 2005).

Quand on applique de telles approches au cas du Loup en France, les modèles classiques donnent des effectifs parfois deux fois plus faibles que ceux issus des modèles tenant compte du fait que tous les animaux n'ont pas les mêmes chances d'être détectés !.

En conclusion, il est impératif de corriger l'estimation des effectifs en tenant compte de la détectabilité (i.e. on ne détecte qu'une partie des loups présents) mais aussi de l'hétérogénéité de détection sous peine d'une estimation fautive de la taille de population. Ces difficultés levées, les méthodes de CR appliquées à des données obtenues grâce à l'outil moléculaire sont un moyen rapide et efficace de valoriser et rentabiliser ces données. Elles permettent d'estimer les effectifs d'une population et d'évaluer des tendances au cours du temps, et ainsi d'établir des indices liés au statut de conservation d'une population.

Olivier Gimenez—C N R S

Carothers, A. D. (1973). The effect of unequal catchability on Jolly-Seber estimates. *Biometrics* 29 : 79-100.

Choquet R., Reboulet A.M., Pradel R., Gimenez O., Lebreton J. D. (2004). MSURGE : new software specifically designed for multistate capture-recapture models. *Animal Biodiversity and Conservation* 27(1) : 207-215.

Lebreton, J. D., et al. (1992). Modeling Survival and Testing Biological Hypotheses Using Marked Animals - a Unified Approach with Case-Studies. *Ecological Monographs*, 1992. 62 : 67-118.

Lukacs P.M. and Burnham K.P. (2005). Review of capture-recapture methods applicable to noninvasive genetic sampling. *Molecular Ecology*. 14 : 3909-3919.

Pradel, R., Multievent: An extension of multistate capture-recapture models to uncertain states. *Biometrics*, 2005. 61(2) : p. 442-447.

Taberlet, P., Waits L. P., et Luikart G., Noninvasive genetic sampling: look before you leap. *Trends in Ecology & Evolution*, 1999. 14 : 323-327.